مجله به‌نژادی نهال و بذر
جلد ۱-۳۳، شماره ۴، سال ۱۳۹۶

ارزیابی تنوع ژنتیکی و ارتباط آن با عوامل جغرافیایی در جمعیت‌های گندم دیپلوئید وحشی (*Triticum boeoticum*) بر اساس خصوصیات مورفولوژیکی

Assessment of Genetic Diversity and Its Relationship with Geographical Factors in Populations of Wild Diploid Wheat (*Triticum boeoticum*) Based on Morphological Characteristics

پری انداز[۱]، محمد مقدم[۲]، سیدسیامک علوی کیا[۳]، مصطفی ولی‌زاده[۴]،
سعید اهری‌زاد[۵] و مژگان تبریزی‌وند طاهری[۶]

۱ و ۶- به ترتیب دانشجوی سابق کارشناسی ارشد و دکتری، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران
۲، ۴ و ۵- استاد، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران
۳- استادیار، گروه به‌نژادی و بیوتکنولوژی گیاهی، دانشکده کشاورزی، دانشگاه تبریز، تبریز، ایران

تاریخ دریافت: ۱۳۹۶/۹/۵ تاریخ پذیرش: ۱۳۹۷/۲/۲۰

چکیده

انداز، پ.، مقدم، م.، علوی‌کیا، س. س.، ولی‌زاده، م.، اهری‌زاد، س. و تبریزی‌وند طاهری، م. ۱۳۹۶. ارزیابی تنوع ژنتیکی و ارتباط آن با عوامل جغرافیایی در جمعیت‌های گندم دیپلوئید وحشی (*Triticum boeoticum*) بر اساس خصوصیات مورفولوژیکی. **مجله به‌نژادی نهال و بذر ۱-۳۳: ۵۳۳- ۵۱۱.**

در این تحقیق، تنوع ژنتیکی نود ژنوتیپ متعلق به دوازده گندم دیپلوئید (*Triticum boeoticum*) جمع‌آوری شده از غرب و شمال غرب ایران در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار مورد ارزیابی قرار گرفت. هر کرت آزمایشی دارای یک خط کاشت به طول نیم متر و عرض بیست سانتی‌متر بود. تعداد پانزده صفت زراعی و مورفولوژیکی در طول فصل زراعی ارزیابی شد. بر اساس نتایج تجزیه واریانس صفات، بین ژنوتیپ‌های موردمطالعه از نظر کلیه صفات اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱٪ وجود داشت. عملکرد دانه با کلیه صفات به جز شاخص برداشت همبستگی معنی‌داری داشت و بیشترین همبستگی آن با صفات بیوماس، تعداد پنجه بارور و تعداد کل پنجه مشاهده شد. رگرسیون چندگانه نشان داد که تعداد پنجه‌های بارور، طول برگ، عرض برگ و وزن دانه در سنبله اصلی بیشترین تأثیر مستقیم را روی عملکرد دانه در بوته داشتند. تجزیه به عامل‌ها، سه عامل سنبله اصلی و برگ، عملکرد و اجزای آن و عامل رسیدگی را مشخص کرد که در مجموع ۷۷/۳۸ درصد از تغییرات را توجیه کردند. همبستگی کانونیک عرض جغرافیایی را به‌عنوان تأثیرگذارترین عامل جغرافیایی و صفات عرض برگ، طول برگ، طول سنبله و تعداد سنبلچه را به‌عنوان صفاتی که بیشتر تحت تأثیر عوامل جغرافیایی هستند معرفی کرد. به‌طورکلی تنوع بالایی از نظر صفات مطالعه‌شده در ژنوتیپ‌های موردبررسی مشاهده شد و استان‌های کردستان، آذربایجان غربی و کرمانشاه به‌عنوان نواحی متنوع جغرافیایی شناخته شدند.

واژه‌های کلیدی: گندم، تجزیه علیت، همبستگی کانونیک، عملکرد دانه، عرض جغرافیایی.

نویسنده مسئول: moghaddamv@yahoo.com تلفن: ۰۴۱۳۳۳۴۴۲۷۳

مقدمه

تنوع ژنتیکی مبنای همه گزینش‌ها و اساس اصلاح نباتات است (Abde Mishani and Shahnejat Boshehri, 1998؛ Clegg, 1997). یکی از راه‌های رویارویی با مخاطرات کشاورزی ایجاد تنوع بهینه است که می‌تواند به‌عنوان راهبرد مقدماتی مواجهه با ریسک منظور شود (Just and Pope, 2003). تنوع ژنتیکی عمده گیاهان از جمله گندم در درجه اول در نتیجه فرآیندهای اهلی کردن و اخیراً در نتیجه استفاده مکرر از ژرم‌پلاسم سازگار و اتخاذ طرح‌های اصلاحی که نوترکیبی ژنتیکی زیادی ندارند با گذشت زمان دچار کاهش کلی شده است (Hoisington *et al.*, 1999؛ Donini *et al.*, 2000؛ Allard, 1996). کاهش قابل‌توجه تنوع ژنتیکی در طول صد سال گذشته رخ داده و روند فرسایش ژن همچنان ادامه دارد (Hammer *et al.*, 2003). انتخاب نهایی چند لاین اصلاح‌شده برای واگذاری به کشاورزان نشان‌دهنده روندی از کاهش تنوع است که البته از نقطه‌نظر سودمندی نهایی منفی نیست (Warburton *et al.*, 2006). فرسایش منابع ژنتیکی گیاهی می‌تواند یک تهدید جدی برای امنیت غذایی جهان در درازمدت باشد، چرا که کاهش تنوع ژنتیکی ممکن است توانایی بالقوه گونه‌ها را برای رویارویی با تغییرات محیطی زنده و غیرزنده کاهش داده و توانایی یک جمعیت را برای مقابله با چالش‌های کوتاه‌مدت مانند پاتوژن‌ها و گیاه‌خواران تغییر دهد (Hammer and Teklu, 2008). گونه‌های وحشی که خویشاوندان گندم به شمار می‌آیند دارای ژن‌ها و خصوصیات مطلوبی هستند که قابلیت انتقال به گندم‌های زراعی را دارند و موجب افزایش تنوع ژنتیکی به‌عنوان ماده اولیه اصلاح گندم می‌شوند (Xiong *et al.*, 2006). گندم‌های دیپلوئید از خویشاوندان وحشی گندم بوده و منبع ارزشمندی از ژن‌های مقاومت برای اصلاح گندم هستند (Hussein *et al.*, 1997؛ Mc Intosh *et al.*, 1984؛ Shi *et al.*, 1996). در بررسی سه سطح مختلف پلوئیدی گندم مشخص شد که عملکرد جمعیت در گندم هگزاپلوئید بالاتر از گندم دیپلوئید بود اما شایستگی و توانایی رقابت فردی در گندم‌های دیپلوئید بالاتر بود. در بررسی‌های انجام شده، سرعت فتوسنتز برگ و کارایی مصرف آب از دیپلوئید تا تتراپلوئید کاهش و از تتراپلوئید تا هگزاپلوئید افزایش یافت (Li *et al.*, 2014). گندم *Triticum boeoticum* گونه دیپلوئید وحشی است و گفته می‌شود که *T. monococcum*، نخستین گندم دیپلوئید اهلی از آن منشأ گرفته است (Harlan and Zohary, 1996). هنو و همکاران (Henu *et al.*, 1997) با تجزیه ۲۸۸ مکان ژنی AFLP در گندم‌های اینکورن (Einkorn) و اجداد وحشی آن نشان دادند که گندم وحشی *T. boeoticum* از کوه کاراکاداغ (Karacadag) در جنوب شرقی ترکیه به

احتمال زیاد پدر گونه‌های اینکورن زراعی است. از مراکز توزیع گونه *T. boeoticum*، اروپای جنوب شرقی (بالکان، کریمه)، سوریه، اردن، فلسطین اشغالی، ترکیه، قفقاز، عراق و ایران را می‌توان نام برد (Salimi *et al.*, 2005). بر اساس تقسیم‌بندی واویلوف نیز ایران یکی از مناطق اصلی منشأ گونه‌های وحشی گندم بوده و مناطق غربی ایران از آذربایجان تا لرستان و فارس در زمره محدوده پراکنش گونه‌های *T. boeoticum* و *T. urartu* در جهان قرار دارد (Zohary and Hopf, 2000). وینز (Waines, 1983) پراکنش نسبتاً دقیقی از گندم‌های اینکورن را در ایران گزارش کرده و نواحی غرب، شمال غرب و مرکز ایران را محل تمرکز این گونه‌ها معرفی کرده است. مرور منابع بیانگر این واقعیت است که گونه‌هایی که از گستره جغرافیایی وسیعی برخوردارند به خاطر تفاوت شرایط اقلیمی و خاکی رویشگاه‌ها دارای تنوع ژنوتیپی و فنوتیپی هستند (Bussotti *et al.*, 2000؛ Gratani *et al.*, 2003). ترکیب‌های مرتبط با *T. boeoticum* همراه با *Aegilops* spp. به‌عنوان غنی‌ترین خزانه ژنی گندم در این مناطق یافت شده است (Fakhre-Tabatabaei and Ramak-Massoumi, 2001). رویشگاه‌های ایرانی گندم *T. boeoticum* واقع در شرق هلال حاصلخیز به‌عنوان نواحی استخراج ژن‌های مفید برای انتقال به گیاهان زراعی اهمیت یافته‌اند (Van Slageren, 1994). گونه *T. boeoticum* Boiss با ژنوم A_bA_b به‌عنوان منبع با ارزشی از ژن‌های مربوط به کیفیت پروتئین، محتوای آمینواسید یا مقاومت به برخی بیماری‌ها گزارش شده است (Ovesna *et al.*, 2000). اخیراً ژن‌های مقاومت در برابر سفیدک پودری (Powdery Mildew) از *T. boeoticum* از طریق یک کراس به کمک نشانگر، با استفاده از *T. durum* به‌عنوان گونه پل، به زمینه گندم زراعی منتقل شده است (Chhuneja *et al.*, 2012). گونه *T. boeoticum* با استفاده از نشانگرهای مورفولوژیک (Mazinani *et al.*, 2012؛ Pouraboughaddareh, 2012)، ایزوزیم‌ها (Cheniany *et al.*, 2007) و نشانگرهای مبتنی بر DNA (Mousavifard *et al.*, 2014؛ Malaki *et al.*, 2006؛ Naghavi *et al.*, 2009) مطالعه شده است. با توجه به نقش تنوع در پیشبرد اهداف و برنامه‌های به‌نژادی و اهمیت گونه‌های وحشی در ایجاد تنوع، این تحقیق به‌منظور بررسی تنوع ژنتیکی گونه وحشی *T. boeoticum* که از نواحی غرب و شمال غرب ایران جمع‌آوری شده بود صورت گرفت و تأثیر مهم‌ترین عوامل جغرافیایی روی پانزده صفت مورفولوژیک و زراعی در آن‌ها ارزیابی شد.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی متشکل از نود ژنوتیپ از دوازده

جمعیت *Triticum boeoticum* بود که از استان‌های نواحی غرب و شمال غرب ایران جمع‌آوری شد. در ابتدا بذور پس از ضدعفونی با قارچ‌کش بنومیل، جهت جوانه‌زنی به مدت چهار روز به ژرمیناتور با دمای بیست درجه سانتی‌گراد منتقل شدند. پس از چهار روز گیاهچه‌ها درون گلدان‌های حاوی خاک زراعی مناسب کشت و به درون اتاقک رشد انتقال داده شدند. به‌منظور بهاره‌سازی، گیاهچه‌ها به مدت چهار تا پنج هفته در اتاقک رشد با شرایط دمایی ۴-۲ درجه سانتی‌گراد، شرایط نوری شانزده ساعت روشنایی و هشت ساعت خاموشی و رطوبت نسبی هفتاد درصد نگهداری شدند. عملیات کاشت در ایستگاه تحقیقاتی دانشکده کشاورزی دانشگاه تبریز در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با دو تکرار انجام شد. این ایستگاه در کرکج، ۱۲ کیلومتری شرق تبریز با ۴۶ درجه و ۱۷ دقیقه طول شرقی و ۳۸ درجه و ۳ دقیقه عرض شمالی و ارتفاع ۱۳۶۰ متر از سطح دریا قرار گرفته است. هر کرت آزمایشی دارای یک خط کاشت به طول نیم متر و عرض بیست سانتی‌متر بود و فاصله بین بوته‌ها ده سانتی‌متر در نظر گرفته شد. کاشت ژنوتیپ‌های هر جمعیت به‌صورت تصادفی صورت گرفت. صفات ارزیابی‌شده عبارت بودند از: طول و عرض دومین برگ از بالا، ارتفاع بوته، طول سنبله اصلی، وزن سنبله اصلی، تعداد سنبلچه در سنبله اصلی، تعداد دانه در سنبله اصلی، وزن دانه در سنبله اصلی، تعداد کل پنجه، تعداد پنجه‌های بارور، وزن کل سنبله‌ها، بیوماس بخش هوایی، تعداد روز تا سنبله‌دهی، عملکرد دانه در بوته و شاخص برداشت. لازم به ذکر است به دلیل عدم ظهور یکنواخت سنبله و خروج غیرطبیعی سنبله‌ها از برگ پرچم، اندازه‌گیری طول و عرض برگ بر اساس برگ دوم از بالا صورت گرفت. همچنین به دلیل این که تیمارهای آزمایشی در این تحقیق گندم‌های وحشی بودند و مشخصه ارقام وحشی وجود سنبله‌های پرس شده و دانه سخت است، بنابراین با توجه به تعداد زیاد سنبله‌ها در هر بوته جداسازی تمام دانه‌های هر بوته امکان‌پذیر نبود؛ بنابراین عملکرد با استفاده از رگرسیون وزن سنبله اصلی به‌عنوان متغیر مستقل بر روی وزن دانه سنبله اصلی به‌عنوان متغیر وابسته برآورد شد. تجزیه‌های آماری با استفاده از نرم افزارهای SPSS و STATISTICA و MSTAT-C انجام شد.

نتایج و بحث

طول و عرض جغرافیایی، ارتفاع از سطح دریا و محل دقیق جمع‌آوری هر یک از جمعیت‌های مورد مطالعه در جدول ۱ آورده شده است.

قبل از انجام تجزیه واریانس، درستی فرض‌های تجزیه واریانس شامل نرمال بودن خطاهای آزمایشی، همگنی واریانس خطاهای آزمایشی و وجود اثر افزایشی بین بلوک و تیمار تأیید شد. بر اساس نتایج تجزیه واریانس بین

جدول ۱- ویژگی‌های جغرافیایی و محل جمع‌آوری جمعیت‌های دیپلوئید وحشی مورد مطالعه

Table 1. Geographical features and location of the collection of studied wild diploid populations

محل جمع‌آوری Location		استان Province		ارتفاع از سطح دریا Above sea level	طول جغرافیایی Longitude	عرض جغرافیایی Latitude	تعداد ژنوتیپ Number of genotype	کد جمعیت Populations
Taleghan-Dasht Village	طالقان- روستای دشت	Ghazvin	قزوین	1709.2	50-40-32	34-23-27	10	Tb-114
Harsin-Tamerg Road	جاده هرسین-تمرگ	Kermanshah	کرمانشاه	1936.0	47-32-32	34-19-33	9	Tb-12
Javanrood-Kozaran Road	ابتدای جاده جوانرود کوزران	Kordestan	کردستان	2267.6	46-35-43	34-51-41	4	Tb-4
Asadabad	اسدآباد	Hamedan	همدان	1270.2	48-8-38	33-11-27	9	Tb-126
Suburb of Saghez	حومه سقز	Kordestan	کردستان	1588.2	46-28-27	36-19-31	11	Tb-10
FarrokhShahr	فرخ شهر	Chaharmahal va Bakhtiari	چهارمحال و بختیاری	1988.2	50-51-40	35-17-26	7	Tb-163
Khoramabad-Aleshtar	خرم آباد- الشتر	Lorestan	لرستان	2249.4	48-13-32	30-44-25	7	Tb-171
Songhor	سنقر	Kermanshah	کرمانشاه	1522.2	47-33-21	33-24-25	9	Tb-257
Kermanshah-Kamyaran Road	جاده کرمانشاه- کامیاران	Kermanshah	کرمانشاه	1586.6	46-57-26	33-32-19	9	Tb-19
Ahar-Kaleibar,30 km to Kaleibar	اهر- کلیبر، ۳۰ کیلومتر تا کلیبر	East Azarbaijan	آذربایجان شرقی	1706.8	47-33-17	40-40-25	3	Tb-216
Mahabad-Sardasht Road	جاده مهاباد به سردشت	Western Azarbaijan	آذربایجان غربی	1649.2	45-45-28	36-39-20	8	Tb-3
Between Chaghalvandi-Khoramabad	بین چغلوند و خرم آباد	Lorestan	لرستان	2431.8	48-26-35	34-53-16	4	Tb-18

ژنوتیپ‌ها، اختلاف معنی‌داری در سطح احتمال ۱٪ از نظر تمامی صفات مورد بررسی مشاهده شد که نشان‌دهنده وجود سطح بالایی از تنوع در ژنوتیپ‌های مورد بررسی بود (جدول ۲). مقادیر وراثت‌پذیری عمومی، واریانس‌های ژنتیکی و فنوتیپی و ضرایب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی هر یک از صفات مورد بررسی در جدول ۳ آورده شده است. صفات عملکرد، وزن کل سنبله‌ها و بیوماس بخش هوایی به‌ترتیب با ضرایب تغییرات ژنتیکی ۵۹/۹۷، ۵۹/۴۷ و ۵۸/۹۱۸ و ضرایب تغییرات فنوتیپی ۷۰/۴۴، ۶۹/۸۴ و ۶۷/۸۲ از بیش‌ترین ضرایب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی برخوردار بودند. در گزارش‌های قبلی نیز عملکرد به‌عنوان صفت دارای بیش‌ترین تنوع فنوتیپی گزارش شده است (Zarei *et al.*, 2011؛ Naroui Rad *et al.*, 2006؛ Farahani and Arzani, 2006). صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، تعداد سنبلچه و عرض برگ دارای کمترین ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی بودند. می‌توان اظهار کرد که صفات دارای ضریب تغییرات ژنوتیپی بالاتر دارای تنوع ژنتیکی بالاتری نسبت به سایر صفات در ژنوتیپ‌های بررسی شده هستند و صفات عملکرد، وزن کل سنبله‌ها و بیوماس بخش هوایی از تنوع بیش‌تری نسبت به سایر صفات برخوردارند. میزان وراثت‌پذیری عمومی صفات از ۵۴/۸۳ تا ۸۶/۷۴ درصد در نوسان بود. صفات تعداد دانه در سنبله (۵۴/۸۳)، وزن دانه در سنبله (۶۱/۱۱۱) و تعداد پنجه‌های بارور (۶۵/۳۱) به ترتیب دارای کمترین میزان وراثت‌پذیری و صفات طول برگ، روز تا سنبله‌دهی، طول سنبله و عرض برگ به ترتیب با درصد وراثت‌پذیری ۸۶/۷۵، ۸۱/۸۴، ۷۹/۵۰ و ۷۹/۲۹ از بیش‌ترین وراثت‌پذیری عمومی برخوردار بودند. چالیش و هوشمند (Chalish and Houshmand, 2011) نیز میزان وراثت‌پذیری را برای تعداد پنجه بارور نسبتاً پایین و برای طول سنبله، متوسط به بالا گزارش کردند. پرودانوویچ (Prodanovic, 1993) سهم کم آثار محیطی بر بروز ژنتیکی صفت طول سنبله و برآورد بالای وراثت‌پذیری را برای این صفت گزارش کرد.

برای تعیین جمعیت‌های دارای تنوع بالا، ضرایب تغییرات ژنتیکی صفات برای هریک از جمعیت‌ها محاسبه شد. با توجه به ضرایب تغییرات ژنتیکی، جمعیت‌های Tb-۴، Tb-۳ و Tb-۱۹ به‌ترتیب مربوط به حوزه‌های کردستان (ابتدای جاده جوانرود کوزران)، آذربایجان غربی (جاده مهاباد به سردشت) و کرمانشاه (جاده کرمانشاه به کامیاران)، ضرایب بالاتری داشتند و به‌عنوان جمعیت‌های دارای تنوع بالا شناخته شدند. بنابراین استان‌های کردستان، آذربایجان غربی و کرمانشاه به‌عنوان نواحی متنوع جغرافیایی شناسایی شدند. نقوی و همکاران (Naghavi *et al.*, 2009) نیز در ارزیابی تنوع ژنتیکی گندم *T. boeoticum* با استفاده از نشانگرهای RAPD، AFLP و SSR

جدول ۲- تجزیه واریانس صفات مورد بررسی در ژنوتیپ‌های گندم *T.boeoticum*

Table 2. Analysis of variance of studied traits in accessions of *T. boeoticum*

S.O.V.	منابع تغییرات	درجه آزادی df.	MS میانگین مربعات تعداد پنجه Number of tiller	وزن سنبله‌ها Weight of spikes	بیوماس Biomass	طول سنبله اصلی Main spike length	عملکرد دانه Grain yield	ارتفاع بوته Plant height	طول برگ Leaf length	عرض برگ Leaf width
Replications	تکرار	1	46.28^{ns}	25.11^{ns}	18.23^{ns}	2.01^{ns}	2.63^{ns}	90.32^{ns}	17.17**	2.31*
Genotypes	ژنوتیپ	89	119.57**	69.63**	284.29**	8.03**	7.31**	327.84**	16.19**	2.72**
- Within	- درون	78	97.11	58.18	223.30	4.97	6.10	319.78	5.81	1.60
- Between	- بین	11	278.92**	150.75**	716.74**	29.68**	15.82**	384.98*	89.80**	10.67**
Error	خطا	89	35.86	19.14	69.76	1.64	2.01	102.19	2.15	0.56
C.V. (%)	درصد ضریب تغییرات		41.47	51.79	47.51	13.96	52.23	20.22	15.04	11.25

ns,* and **: Not significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

ns، * و **: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد.

Table 2. Continued

ادامه جدول ۲

S.O.V.	منابع تغییرات	درجه آزادی df.	MS میانگین مربعات وزن سنبله اصلی Weight of main spike	تعداد سنبلچه Number of spikelets	تعداد دانه Number of grains	وزن دانه Weight of grains	تعداد پنجه بارور Number of fertile tiller	روز تا سنبله‌دهی Days to heading	شاخص برداشت Harvest index
Replications	تکرار	1	0.05^{ns}	9.41^{ns}	97.81^{ns}	0.006^{ns}	29.38^{ns}	1.09^{ns}	35.53*
Genotypes	ژنوتیپ	89	0.23**	23.91**	139.45**	0.036**	87.52**	76.77**	19.35**
- Within	- درون	78	0.19	17.41	140.99	0.036	69.41	51.79	15.53
- Between	- بین	11	0.45**	70.06**	128.52^{ns}	0.036^{ns}	215.90**	253.86**	46.38**
Error	خطا	89	0.06	6.24	62.98	0.014	27.23	13.94	5.25
C.V. (%)	درصد ضریب تغییرات	-	23.46	11.82	23.34	36.52	43.37	5.76	14.55

ns,* and **: Not significant, significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

ns، * و **: به ترتیب غیرمعنی‌دار و معنی‌دار در سطح احتمال پنج و یک درصد.

جدول ۳- واریانس و ضریب تغییرات ژنتیکی و فنوتیپی و وراثت‌پذیری صفات مورد بررسی در ژنوتیپ‌ها تفکیک شده در درون و بین جمعیت‌های گندم *T.boeoticum*

Table 3. Genetic and phenotypic variance, genetic and phenotypic coefficients of variation and heritability separated within and between populations of *T. boeoticum* for the studied traits

		عرض برگ Leaf width	طول برگ Leaf length	ارتفاع بوته Plant height	عملکرد Grain yield	طول سنبله Main spike length	بیوماس Biomass	وزن سنبله‌ها Weight of spikes	تعداد پنجه Number of tiller	وزن سنبله اصلی Weight of main spike	تعداد سنبلچه Number of spikelets	تعداد دانه Number of grains	وزن دانه Weight of grains	تعداد پنجه بارور Number of fertile tiller	روز تا سنبله‌دهی Days to heading	شاخص برداشت Harvest index
σ^2_g	واریانس ژنتیکی	1.07	7.02	112.83	2.65	13.92	107.27	25.24	41.85	0.083	8.83	38.23	0.011	25.64	31.41	7.04
-Within	- درون	0.51	1.83	108.76	2.04	1.66	76.77	19.51	30.62	0.067	5.58	39.00	0.010	21.08	18.92	5.13
-Between	- بین	5.05	43.82	141.02	6.90	14.01	323.49	65.80	121.53	0.193	31.90	32.77	0.011	94.33	119.9	20.56
σ^2_{ph}	واریانس فنوتیپی	1.36	8.09	163.92	3.65	4.01	142.15	34.81	59.78	0.115	11.95	69.72	0.018	39.26	38.38	9.67
-Within	- درون	0.80	2.90	159.89	3.05	2.48	111.65	29.09	48.55	0.099	8.70	70.49	0.017	34.70	25.89	7.76
-Between	- بین	5.33	44.90	192.49	7.91	14.84	358.38	75.37	139.46	0.224	35.03	64.26	0.018	107.9	126.92	23.19
CV_g	ضریب تغییرات ژنتیکی	15.57	27.20	21.24	59.97	19.44	58.91	59.47	44.80	27.01	14.06	18.19	32.37	42.08	8.64	16.85
-Within	- درون	10.79	13.90	20.86	52.73	14.04	49.84	52.29	38.32	24.34	11.17	18.37	31.93	38.16	6.71	14.39
-Between	- بین	33.69	67.95	23.78	96.82	40.74	102.31	96.01	76.34	41.06	26.72	16.84	32.48	80.72	16.90	28.79
CV_{ph}	ضریب تغییرات فنوتیپی	17.48	29.21	25.61	70.43	21.80	67.82	69.84	53.54	31.70	16.35	24.56	41.41	52.07	9.56	19.74
-Within	- درون	13.41	17.50	25.29	64.38	17.16	60.10	63.84	48.25	29.45	13.95	24.70	41.02	48.96	7.85	17.69
-Between	- بین	34.62	68.77	27.75	103.63	41.91	107.68	102.76	81.78	44.28	27.99	23.58	41.45	86.35	17.38	30.57
h^2	وراثت پذیری	79.28	86.74	68.82	72.50	79.50	75.46	72.49	70.00	72.60	73.87	54.83	61.11	65.31	81.83	72.84

[۲] σ_g, σ^2_{ph}, CV_g, CV_{ph} and h^2 : Genetic variance, phenotypic variance, genetic coefficient of variation, phenotypic coefficient of variation and broad-sense heritability

تنوع ژنتیکی بالایی در استان کرمانشاه گزارش کردند. موسوی‌فرد و همکاران (Mousavifard *et al.*, 2014) تنوع ۸۹ ژنوتیپ متعلق به سه گونه *T. monococcum*، *T. boeoticum* و *T. urartu* را با استفاده از نشانگرهای ISSR مورد مطالعه قرار دادند و اظهار کردند از نظر جغرافیایی ژنوتیپ‌های غربی بالاترین (۴۴/۸۶) و ژنوتیپ‌های جنوب غربی کم‌ترین (۷/۷۴) چندشکلی را نشان دادند. با این حال خارستانی و همکاران (Kharestani *et al.,* 2013) در بررسی تنوع ژنتیکی گندم‌های اینکورن با استفاده از نشانگرهای ریزماهواره، تنوع بیش‌تری در جمعیت‌های جمع‌آوری شده از شمال غرب ایران نسبت به جمعیت‌های غرب کشور گزارش کردند.

همبستگی بین پانزده صفت مورفولوژیک و زراعی و همچنین عوامل جغرافیایی با صفات مطالعه‌شده در جدول ۴ درج شده است. تعداد روز تا ظهور سنبله با تمامی صفات به جز طول و عرض برگ، طول سنبله، بیوماس و تعداد سنبلچه همبستگی منفی معنی‌دار داشت. عملکرد با تمام صفات به جز شاخص برداشت همبستگی معنی‌داری نشان داد. همبستگی عملکرد با تمامی صفات مثبت و با تعداد روز تا ظهور سنبله منفی بود. عملکرد بیشترین همبستگی را به‌ترتیب با صفات بیوماس بخش هوایی (۰/۹۴۱)، تعداد پنجه‌های بارور (۰/۹۱۶)، تعداد کل پنجه (۰/۹۰۷) و ارتفاع بوته (۰/۶۰۵) داشت. نتایج مشابهی از ارتباط مثبت و معنی‌دار عملکرد دانه در بوته با تعداد پنجه در بوته گزارش شده است (Chalish and Houshmand, 2011؛ Subhashchandra *et al.*, 2009). با افزایش تعداد پنجه و در نتیجه پنجه‌های بارور، میزان بذر تشکیل‌شده در بوته بیشتر شده و در نهایت عملکرد بوته افزایش می‌یابد. با افزایش بیوماس، مواد بیشتری در آخر فصل صرف رسیدگی دانه شده و عملکرد افزایش می‌یابد. بابایی زارچ و همکاران (BabaieZarch *et al.*, 2013) گزارش کردند که صفاتی چون تعداد دانه در سنبله، تعداد ساقه در بوته، طول سنبله، عرض برگ پرچم و وزن هزاردانه همبستگی مثبت و بالایی با عملکرد تک‌بوته دارند و می‌توان آن‌ها را به‌عنوان صفات مرتبط با عملکرد ذکر کرد. بیش‌ترین همبستگی تعداد پنجه بارور با تعداد کل پنجه، عملکرد و وزن کل سنبله‌ها بود. وزن دانه سنبله اصلی با وزن سنبله اصلی (۰/۷۸۴)، تعداد دانه سنبله اصلی (۰/۶۷۱) و ارتفاع بوته (۰/۵۷۸) بیش‌ترین همبستگی را داشت. بیوماس بخش هوایی با همه صفات به غیر از تعداد روز تا ظهور سنبله و شاخص برداشت همبستگی معنی‌داری داشت. بیش‌ترین همبستگی بیوماس با عملکرد، وزن کل سنبله‌ها، تعداد کل پنجه و تعداد پنجه بارور مشاهده شد. ارتفاع بوته بیش‌ترین همبستگی را با بیوماس (۰/۶۳۳)، تعداد دانه (۰/۶۱۳) و طول سنبله اصلی (۰/۶۱۰) نشان داد.

عرض جغرافیایی با تمامی صفات به جز

جدول ۴- همبستگی بین صفات مورفولوژیکی مطالعه‌شده و عوامل جغرافیایی در ژنوتیپ‌های *T. boeoticum*

Table 4. Correlations among studied morphological traits and geographical factors in accessions of *T. boeoticum*

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
2	0.603**																
3	0.475**	0.358**															
4	0.774**	0.654**	0.610**														
5	0.546**	0.311**	0.633**	0.578**													
6	0.446**	0.204*	0.605**	0.487**	0.941**												
7	0.548**	0.428**	0.568**	0.618**	0.587**	0.559**											
8	0.282**	0.021	0.556**	0.372**	0.836**	0.907**	0.359**										
9	0.522**	0.449**	0.556**	0.754**	0.600**	0.476**	0.574**	0.407**									
10	0.437**	0.346**	0.613**	0.602**	0.542**	0.494**	0.684**	0.428**	0.736**								
11	0.354**	0.211*	0.578**	0.427**	0.517**	0.549**	0.784**	0.458**	0.474**	0.671**							
12	0.290**	0.009	0.549**	0.359**	0.833**	0.916**	0.369**	0.987**	0.388**	0.425**	0.492**						
13	0.067	-0.124	-0.476**	-0.065	-0.139	-0.233*	-0.183	-0.240*	0.014	-0.276**	-0.276**	-0.243*					
14	-0.251*	-0.345**	-0.010	-0.250*	-0.117	0.141	0.023	0.174	-0.237*	-0.035	0.159	0.209*	-0.267*				
15	0.446**	0.204*	0.605**	0.487**	0.941**	1.000**	0.559**	0.907**	0.476**	0.494**	0.549**	0.916**	-0.233*	0.141			
16	-0.113	-0.139	-0.201	0.002	-0.160	-0.128	-0.025	-0.064	-0.078	-0.013	-0.150	-0.058	0.109	-0.029	-0.128		
17	0.579**	0.435**	-0.002	0.504**	0.322**	0.212*	0.244*	0.070	0.436**	0.216*	0.067	0.087	0.312**	-0.264*	0.212*	-0.128	
18	-0.224*	-0.351**	-0.016	-0.176	-0.069	-0.054	-0.287**	0.165	-0.044	-0.061	-0.083	-0.139	-0.004	0.145	-0.054	-0.196	-0.221*

اعداد ۱ تا ۱۸ به‌ترتیب: عرض برگ، طول برگ، ارتفاع بوته، طول سنبله، بیوماس، وزن سنبله‌ها، وزن سنبله اصلی، تعداد پنجه، تعداد سنبلچه، تعداد دانه، وزن دانه، تعداد پنجه بارور، تعداد روز تا سنبله‌دهی، شاخص برداشت، عملکرد دانه، ارتفاع از سطح دریا، عرض جغرافیایی و طول جغرافیایی.

* و **: به ترتیب معنی دار در سطح احتمال پنج و یک درصد.

1-18: Leaf width, leaf length, plant height, length of main spike, biomass, weight of total spikes, weight of main spike, number of total tiller, number of spikelets, number and weight of grains in the main spike, number of fertile tiller, number of days to heading, harvest index, grain yield per plant, above sea level, latitude and longitude.

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

ارتفاع بوته، تعداد کل پنجه، تعداد پنجه بارور و وزن دانه در سنبله اصلی همبستگی معنی‌داری نشان داد. همبستگی عرض جغرافیایی با شاخص برداشت و ارتفاع بوته منفی و با سایر صفات مورفولوژیکی مثبت بود. بیش‌ترین همبستگی عرض جغرافیایی به‌ترتیب با صفات عرض برگ، طول سنبله اصلی، تعداد سنبلچه و طول برگ بود. با توجه به میانگین صفات مورفولوژیک، جمعیت‌های Tb-216، Tb-3 و Tb-10 به ترتیب مربوط به استان‌های آذربایجان شرقی، آذربایجان غربی و کردستان که در عرض‌های بالاتری قرار گرفته‌اند، از نظر چهار صفت عرض برگ، طول برگ، طول سنبله و تعداد سنبلچه دارای میانگین بالاتری نسبت به سایر جمعیت‌ها بودند. پورابوقداره (Pouraboughaddareh, 2012) همبستگی عرض جغرافیایی با طول برگ، عرض برگ، تعداد دانه در سنبله، طول سنبله اصلی، تعداد سنبلچه، عملکرد و تعداد روز تا ظهور سنبله را مثبت و تنها با طول سنبله اصلی را معنی‌دار گزارش کرد. طول جغرافیایی تنها با صفات عرض برگ، طول برگ و وزن سنبله اصلی همبستگی منفی و معنی‌داری نشان داد. بیش‌ترین همبستگی طول جغرافیایی با طول برگ مشاهده شد. ارتفاع از سطح دریا با هیچ‌یک از صفات مورفولوژیکی همبستگی معنی‌داری نشان نداد. رویز و همکاران (Ruiz *et al.,* 1997) همبستگی معنی‌داری بین عوامل جغرافیایی و صفات مورفولوژیکی مانند ارتفاع و مراحل رشد رویشی گیاه در رابطه با تنوع گونه‌های وحشی جو گزارش کردند. آن‌ها اظهار داشتند که ارتفاع از سطح دریا تنها با ارتفاع بوته و ویژگی‌های رویشی (مانند خصوصیات مربوط به برگ) همبستگی دارد. نتایج به‌دست آمده نشان داد که عرض و طول جغرافیایی در تنوع ژنتیکی ژرم‌پلاسم مؤثر بوده است. در گزارش‌های قبلی تنها به ارتفاع از سطح دریا به‌عنوان عامل مؤثر در غنای گونه‌ای و تنوع زیستی آن‌ها اشاره شده است (Fisher and Fuel, 2004؛ Grytnes and Vetaas, 2002؛ Hegazy *et al.,*1998؛ Coroi *et al.,* 2004). با این حال به طور کلی همبستگی‌های مشاهده شده بین عوامل جغرافیایی و صفات مورفولوژیکی بسیار بالا نبود. این نتایج بیان می‌دارد که سایر ویژگی‌های اقلیمی نیز در تمایز ژنوتیپ‌های این مناطق از همدیگر نقش داشته است.

برای تعیین مؤثرترین عوامل جغرافیایی و صفاتی که بیش از سایر صفات تحت تأثیر این عوامل هستند، از تجزیه همبستگی کانونیک استفاده شد. نتایج تجزیه همبستگی کانونیک در جدول ۵ آورده شده است. همبستگی کانونیک کل برابر با ۰/۷۷ و از مقدار نسبتاً بالایی برخوردار بود. این امر نشان می‌دهد که به‌طورکلی صفات مورفولوژیکی تحت تأثیر عوامل جغرافیایی هستند. از بین توابع کانونیک

جدول ۵- ضرایب کانونیک صفات زراعی و عوامل جغرافیایی
در ژنوتیپ‌های *T. boeoticum*

Table 5. Canonical coefficients of agronomic traits and geographical factors in *T. boeoticum*

Traits	صفات	تابع کانونیک اول First canonical function	تابع کانونیک دوم Second canonical function	تابع کانونیک سوم Third canonical function
Leaf width	عرض برگ	0.729	0.146	0.342
Leaf length	طول برگ	0.578	0.448	0.135
Plant height	ارتفاع	-0.064	0.187	0.389
Length of main spike	طول سنبله	0.663	0.017	0.116
Biomass	بیوماس	0.359	0.068	0.457
Weight of main spike	وزن سنبله اصلی	0.304	0.498	0.221
Number of total tiller	تعداد پنجه	0.021	-0.253	0.387
Number of spikelets	تعداد سنبلچه	0.518	-0.096	0.399
Number of grains	تعداد دانه	0.257	-0.003	0.094
Weight of grains	وزن دانه	0.051	0.218	0.248
Number of fertile tiller	پنجه بارور	0.051	-0.224	0.353
Days to heading	روز تا سنبله دهی	0.418	-0.243	-0.015
Harvest index	شاخص برداشت	-0.369	0.072	0.062
Grain yield	عملکرد دانه	0.230	0.076	0.338
Above sea level	ارتفاع ازسطح دریا	0.096	-0.555	-0.825
Latitude	عرض جغرافیایی	0.956	-0.034	0.290
Longitude	طول جغرافیایی	-0.359	-0.879	0.311

تنها تابع اول معنی‌دار بود. در توابع کانونیک ضرایب بالاتر از ۰/۵ معنی‌دار در نظر گرفته شدند. با توجه به ضرایب صفات مطالعه‌شده، صفات عرض برگ (۰/۷۲۹)، طول برگ (۰/۵۷۸)، طول سنبله (۰/۶۶۳) و تعداد سنبلچه (۰/۵۱۸) دارای ضرایب بالاتری بوده و به‌عنوان صفاتی که بیش‌تر تحت تأثیر معیارهای جغرافیایی هستند، در نظر گرفته شدند. از بین معیارهای جغرافیایی نیز عرض جغرافیایی با ضریب ۰/۹۵۶ به‌عنوان تنها معیار تأثیرگذار روی تنوع صفات مورد بررسی شناخته شد. پورابوقداره و همکاران (Pouraboughaddareh *et al.,* 2016) در بررسی ارتباط تنوع ژنتیکی با عوامل جغرافیایی در جمعیت‌های وحشی گندم اینکورن غرب و شمال غرب کشور، ارتفاع از سطح دریا و عرض جغرافیایی را به‌عنوان عوامل مهمی در گروه‌بندی جمعیت‌ها عنوان کردند. نامبردگان اظهار داشتند که دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای بر اساس صفات مورد بررسی با گروه‌بندی با الگوی تنوع ژنتیکی به دست آمده بر اساس عرض جغرافیایی و ارتفاع از سطح دریا، بیشترین تطابق را نشان داد. رن و همکاران (Ren *et al.,* 2013) در بررسی تنوع ژنتیکی گندم وحشی emmer با استفاده از SNP و همبستگی آن با فاکتورهای اکولوژیکی عنوان

کردند الگوهای گروه‌بندی با استفاده از گروه‌بندی براساس مدل‌های Bayesian، با توزیع جغرافیایی گندم emmer مرتبط بود و فاکتورهای عرض جغرافیایی، دما و فراهمی آب، به تنهایی یا در ترکیب با هم، سهم قابل توجهی در تنوع فراوانی اللی SNP داشتند. رحمان پور و همکاران (Rahmanpour *et al.,* 2015) نیز ارتباط معنی‌داری بین فاکتورهای اقلیمی و عملکرد گندم گزارش کردند. نقش مهم فاکتورهای غیرزیستی مثل مکان جغرافیایی، اقلیم و شرایط خاکی در تنوع ارتفاع بوته هیبریدهای گندم نیز گزارش شده است (Ripberger *et al.,*2016). با توجه به نتایج همبستگی ساده نیز از بین معیارهای جغرافیایی، عرض جغرافیایی با تعداد صفات بیش‌تری همبستگی معنی‌دار نشان داد. بیش‌ترین همبستگی ساده عرض جغرافیایی با صفات عرض برگ، طول سنبله اصلی، تعداد سنبلچه و طول برگ بود. بنابراین نتایج به‌دست آمده از طریق همبستگی ساده با استفاده از همبستگی کانونیک نیز تأیید شد. به طور کلی می‌توان گفت عرض جغرافیایی در تنوع صفات مطالعه شده تأثیرگذار بوده و صفات عرض برگ، طول برگ، طول سنبله و تعداد سنبلچه بیش‌تر از سایر صفات از عرض جغرافیایی تبعیت کردند.

به‌منظور به‌دست آوردن رابطه بین عملکرد و سایر صفات مورد بررسی از رگرسیون چندگانه به روش گام به گام استفاده شد. نتایج رگرسیون نشان داد که در معادله نهایی چهار صفت تعداد پنجه بارور، طول برگ، عرض برگ و وزن دانه در سنبله اصلی به ترتیب با ضرایب رگرسیون استاندارد شده ۰/۸۵۱، ۰/۱۱۹، ۰/۱۰۳ و ۰/۰۶۸ بیش‌ترین تأثیر را بر عملکرد دانه در بوته داشتند. مقدار R^2 مدل برابر ۰/۸۸ به‌دست آمد. با توجه به ضرایب رگرسیون استاندارد شده، تعداد پنجه بارور بیشترین تأثیر را بر عملکرد دانه در بوته داشته و پس از آن به ترتیب صفات طول برگ، عرض برگ و وزن دانه تأثیرگذار بودند. پورابوقداره (Pouraboughaddareh, 2012) نیز در ارزیابی صفات مورفولوژیکی توده‌های وحشی، طول و عرض برگ را مرتبط با عملکرد دانه گزارش کرد. زکی‌زاده و همکاران (Zakizadeh *et al.,* 2010) با استفاده از رگرسیون مرحله‌ای، صفات عملکرد بیولوژیک، وزن دانه در سنبله و تعداد سنبله در مترمربع را مرتبط با عملکرد دانستند. به طور کلی با توجه به نتایج همبستگی نیز همبستگی عملکرد با صفات وارد شده به مدل در سطح ۱٪ معنی‌دار و با تعداد پنجه بارور و تعداد کل پنجه بسیار بالا بود و این نشان می‌دهد که این صفات تأثیر زیادی روی عملکرد دارند.

در مطالعه‌ای، کامکار و همکاران (Kamkar *et al.,* 2004) عنوان کردند که ضرایب همبستگی ساده به تنهایی نمی‌تواند مبنای صحیحی از تأثیر اجزای مختلف تعیین کننده عملکرد دانه بر این صفت باشند و

ضرایب تجزیه علیت می‌توانند تجزیه و تحلیل قوی‌تری را در این زمینه ارائه دهند. نتایج تجزیه علیت عملکرد دانه در بوته با سایر صفات مؤثر بر آن در ژنوتیپ‌های ارزیابی‌شده در جدول ۶ آمده است. به طورکلی طبق نتایج تجزیه علیت، تأثیر غیرمستقیم عرض برگ و وزن دانه در سنبله اصلی از طریق تعداد پنجه بارور بالا بود. از طرفی تعداد پنجه‌های بارور بیش‌ترین تأثیر مستقیم را بر عملکرد دانه داشت. بنابراین می‌توان بیان کرد که تعداد پنجه‌های بارور عامل اصلی تأثیرگذار روی عملکرد دانه در ژنوتیپ‌های وحشی مورد مطالعه بود.

تجزیه عاملی با هدف کشف متغیرهای مستقلی که عامل نامیده می‌شوند، برای یافتن مدل ارتباطی بین مجموعه‌ای از متغیرها به کار برده می‌شود. شرط استفاده از این روش، وجود همبستگی بالا بین متغیرهای اولیه است. وجود همبستگی کافی بین متغیرهای اولیه با استفاده از آزمون کرویت بارتلت و ضریب KMO تست شد. ضریب KMO برابر با ۰/۸۰۳ و آزمون کرویت بارتلت نیز معنی‌دار بود. نتایج تجزیه به عامل‌ها در جدول ۷ درج شده است.

به منظور توزیع متعادل متغیرها، تجزیه عامل‌ها با استفاده از چرخش وریماکس صورت گرفت. تجزیه عامل‌ها سه عامل را مشخص کرد که در مجموع ۷۷/۳۸۸ درصد از تغییرات را توجیه کردند. عامل اول ۳۱/۶۸۹ درصد از تغییرات کل را توجیه کرد. در این عامل بزرگترین ضرایب عاملی به ترتیب مربوط به صفات طول سنبله، طول برگ، عرض برگ، تعداد سنبلچه، وزن سنبله اصلی و تعداد دانه بود. از آنجایی که تمام معیارهای اندازه‌گیری‌شده مربوط به برگ و سنبله اصلی در این عامل قرار دارد، این عامل را می‌توان عامل سنبله اصلی و برگ نامید. عامل دوم ۳۰/۸۱۶ درصد از تغییرات کل واریانس را تبیین کرد. این عامل، عامل عملکرد و اجزای اصلی مربوط به آن نام‌گذاری شد. صفات تعداد پنجه بارور، تعداد کل پنجه، عملکرد و بیوماس بخش هوایی به ترتیب از بالاترین ضرایب برخوردار بودند. با افزایش بیوماس، تعداد کل پنجه‌ها و در نتیجه پنجه‌های بارور بیشتر شده و عملکرد افزایش یافت. همبستگی ساده عملکرد با صفات بیوماس، تعداد پنجه بارور و تعداد کل پنجه نیز بیشتر بود. بنابراین ژنوتیپ‌هایی که از نظر این عامل برتر باشند از بیشترین میزان عملکرد دانه برخوردار خواهند بود. در عامل سوم صفات تعداد روز تا ظهور سنبله، وزن دانه، شاخص برداشت و ارتفاع بوته از ضرایب بالاتری برخوردار بودند و تعداد روز تا ظهور سنبله از ضریب منفی برخوردار بود. به نظر می‌رسد افراد برتر از نظر این عامل، افرادی هستند که زودتر از بقیه وارد فاز زایشی شدند و در عین حال از وزن دانه و شاخص برداشت مناسبی برخوردارند. این عامل، عامل رسیدگی نام‌گذاری شد. ژنوتیپ‌های برتر در سه عامل بیان شده، در جدول ۸ آورده شده است.

برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها و جمعیت‌ها از

جدول ۶- تجزیه علیت عملکرد دانه و صفات مرتبط با آن در ژنوتیپ‌های مطالعه شده گندم *T. boeoticum*

Table 6. Path analysis of yield and its related traits in studied accessions of *T. boeoticum*

صفات وارد شده به مدل Variables added to the model		اثر مستقیم Direct effect	اثرغیرمستقیم indirect effect				همبستگی با عملکرد Correlations with yield
			وزن دانه Weight of grains	عرض برگ Leaf width	طول برگ Leaf length	تعداد پنجه بارور Number of fertile tiller	
Number of fertile tiller	پنجه بارور	0.851	0.033	0.030	0.001	-	0.916**
Leaf length	طول برگ	0.119	0.014	0.062	-	0.008	0.204**
Leaf width	عرض برگ	0.103	0.024	-	0.072	0.247	0.446**
Weight of grains	وزن دانه	0.068	-	0.036	0.025	0.419	0.549**

جدول ۷- تجزیه عاملی صفات مورد بررسی در ژنوتیپ‌های مطالعه شده گندم *T. boeoticum*

Table 7. Factor analysis of studied traits in studied accessions of *T. boeoticum*

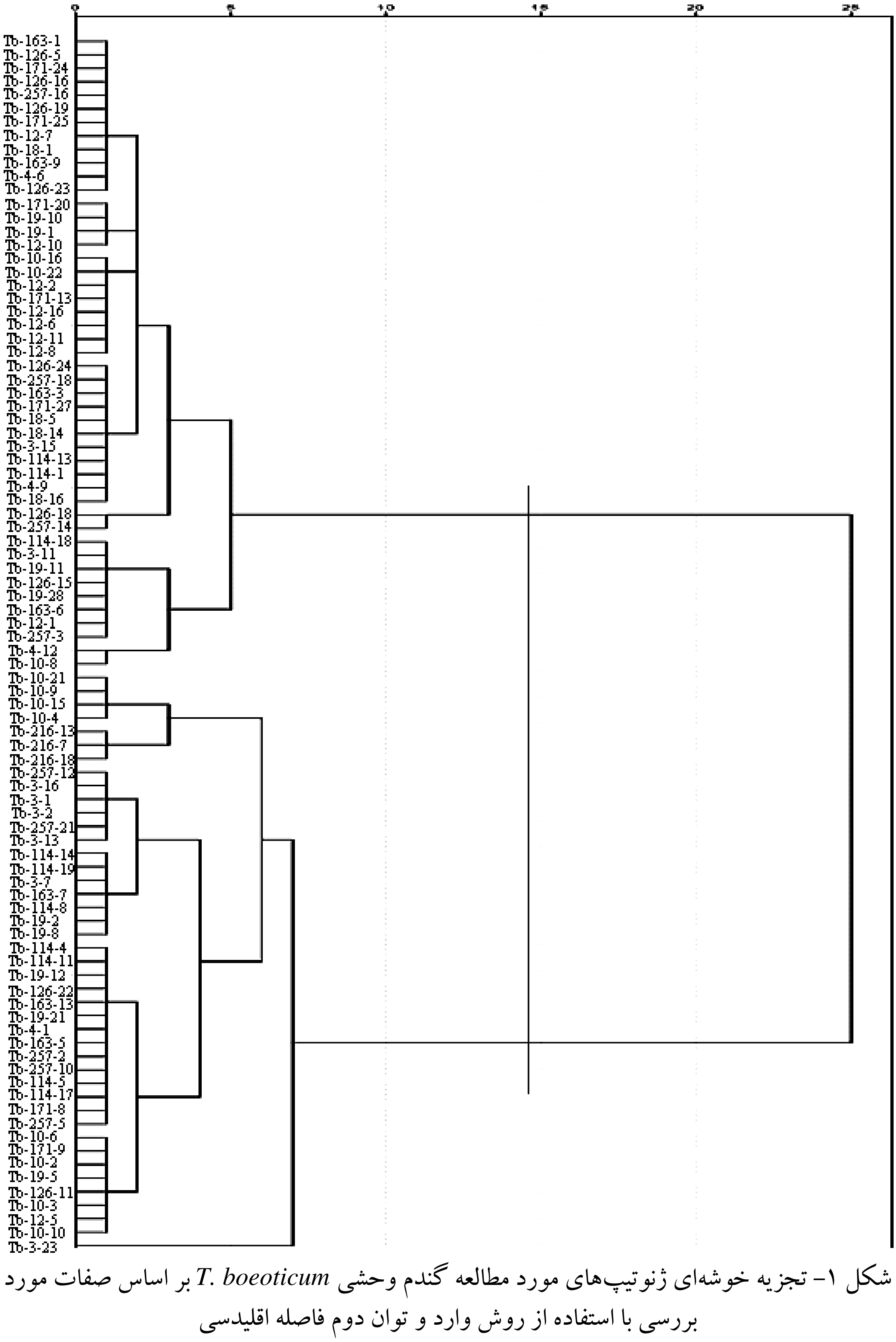
Traits	صفات	میزان اشتراک Communality	عامل ۱ Factor 1	عامل ۲ Factor 2	عامل ۳ Factor 3
Leaf width	عرض برگ	0.736	0.731	0.309	-0.122
Leaf length	طول برگ	0.686	0.818	-0.130	0.011
Plant height	ارتفاع	0.721	0.492	0.472	0.505
Length of main spike	طول سنبله	0.843	0.865	0.308	0.008
Biomass	بیوماس	0.927	0.447	0.851	0.048
Weight of main spike	وزن سنبله اصلی	0.722	0.666	0.283	0.445
Number of total tiller	تعداد پنجه	0.957	0.079	0.964	0.150
Number of spikelets	تعداد سنبلچه	0.732	0.761	0.390	0.025
Number of grains	تعداد دانه	0.705	0.633	0.350	0.459
Weight of grains	وزن دانه	0.639	0.434	0.363	0.610
Number of fertile tiller	پنجه بارور	0.971	0.062	0.968	0.176
Days to heading	روز تا سنبله‌دهی	0.602	0.045	-0.022	-0.774
Harvest index	شاخص برداشت	0.933	-0.497	0.139	0.583
Grain yield	عملکرد	0.606	0.280	0.904	0.192
Percentage of variance	درصد واریانس هر عامل	-	31.68%	30.81%	14.88%
Percentage of cumulative variance	درصد واریانس تجمعی	-	31.68%	62.50%	77.38%

جدول ۸- ژنوتیپ‌های برتر در هر عامل بر اساس ضرایب معنی‌دار هر عامل
Table 8. The best accessions of each factors based on significant coefficients

		عامل ۱ Factor 1	عامل ۲ Factor 2	عامل ۳ Factor 3
		*T. boeoticum*126-6	*T. boeoticum*12-1	*T. boeoticum*3-16
		*T. boeoticum*10-10	*T. boeoticum*3-16	*T. boeoticum*163-3
		*T. boeoticum*3-1	*T. boeoticum*10-21	*T. boeoticum*257-14
		*T. boeoticum*12-2	*T. boeoticum*12-6	*T. boeoticum*12-11
		*T. boeoticum*12-1	*T. boeoticum*114-13	*T. boeoticum*19-8
		*T. boeoticum*19-21	*T. boeoticum*171-9	*T. boeoticum*216-13
		*T. boeoticum*126-22	*T. boeoticum*3-1	*T. boeoticum*12-1
		*T. boeoticum*3-16	*T. boeoticum*19-5	*T. boeoticum*257-18
		*T. boeoticum*114-8	*T. boeoticum*257-16	*T. boeoticum*114-8
		*T. boeoticum*19-12	*T. boeoticum*12-5	*T. boeoticum*114-4
Average	میانگین	59.50	42.97	-15.52
Minimum	حداقل	35.21	6.78	-47.46
Maximum	حداکثر	89.19	159.41	7.80

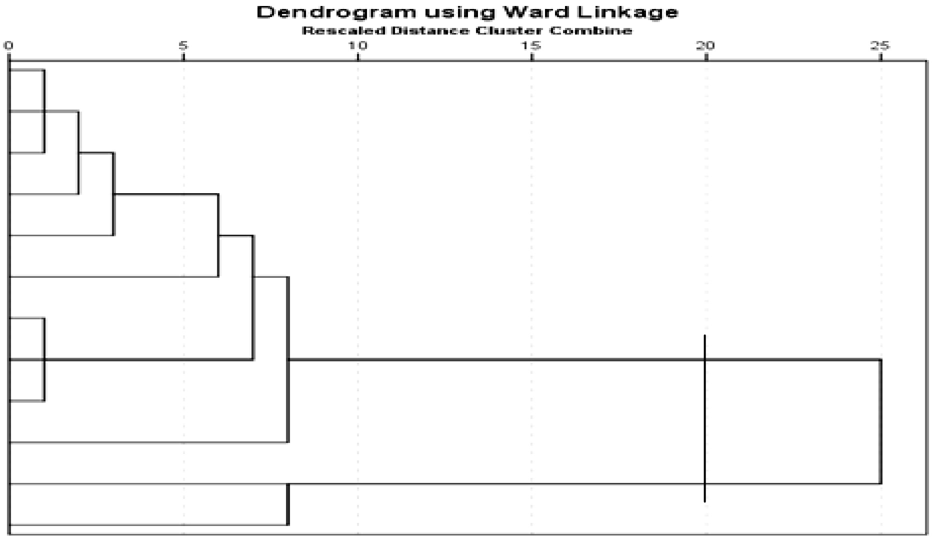
تجزیه خوشه‌ای به روش وارد (Ward) و مجذور فاصله اقلیدسی استفاده شد.
دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌ها در شکل ۱ آورده شده است. با توجه به بیشترین فاصله بین گروه‌ها، ژنوتیپ‌ها در دو گروه کلی تقسیم شدند. در گروه اول ۴۷ ژنوتیپ و در گروه دوم ۴۳ ژنوتیپ قرار گرفت. گروه اول در تمامی صفات به‌جز تعداد روز تا ظهور سنبله و شاخص برداشت دارای ارزش کمتر از میانگین کل بود در حالی که گروه دوم بر عکس گروه اول در تمامی صفات غیر از تعداد روز تا سنبله‌دهی و شاخص برداشت میانگین بالاتری از میانگین کل داشت. با توجه به نتیجه مقایسه میانگین، بیش‌تر ژنوتیپ‌هایی که در هر یک از صفات دارای ارزش بالاتری بودند در گروه دو جای گرفتند. بنابراین به طورکلی می‌توان اظهار داشت افراد این گروه در اکثریت صفات از جمله عملکرد و اجزای آن، نسبت به گروه اول برتر هستند.

در شکل ۲ دندروگرام مربوط به جمعیت‌های موردمطالعه آورده شده است. دندروگرام حاصل از تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌ها با توجه به بیشترین فاصله بین گروه‌ها به دو گروه کلی تقسیم شد که تابع تشخیص نیز بیشترین تمایز را در حالت دوگروهی تأیید کرد. گروه‌بندی جمعیت‌ها، جمعیت‌های مربوط به استان‌های غربی و شمال غربی را از هم تفکیک کرد به طوری‌که جمعیت‌های Tb-۳ و Tb-۲۱۶ به ترتیب مربوط به استان‌های آذربایجان غربی و آذربایجان شرقی در یک گروه و سایر جمعیت‌ها که متعلق به استان‌های غربی هستند در گروه دیگر قرار گرفتند. به طورکلی با توجه به میانگین صفات در جمعیت‌ها می‌توان گفت جمعیت‌های شمال



شکل ۱- تجزیه خوشه‌ای ژنوتیپ‌های مورد مطالعه گندم وحشی *T. boeoticum* بر اساس صفات مورد بررسی با استفاده از روش وارد و توان دوم فاصله اقلیدسی

Fig. 1. Dendrogram of studied accessions of *T. boeoticum* based on studied traits using ward method and squared Euclidean distance



شکل ۲- تجزیه خوشه‌ای جمعیت‌های وحشی گندم *T. boeoticum* بر اساس صفات مورد بررسی مورفولوژیکی با استفاده از روش وارد و توان دوم فاصله اقلیدسی

Fig. 2. Dendrogram of studied populations of *T. boeoticum* based on studied morphological traits using ward method and squared Euclidean distance

غربی تا حدودی دارای میانگین بالاتری بودند و هر دو در یک گروه جداگانه قرار گرفتند. تفکیک جمعیت‌های نواحی غرب و شمال غرب ایران نشان می‌دهد که تنوع صفات ارزیابی‌شده از معیارهای جغرافیایی تبعیت می‌کند. نتایج این تحقیق تأثیر عرض و طول جغرافیایی را بر صفات مورفولوژیک ارزیابی شده نشان داد و عرض جغرافیایی به‌عنوان تأثیرگذارترین عامل جغرافیایی شناسایی شد. گروه‌بندی جمعیت‌ها نیز تأثیرپذیری صفات موردبررسی از عوامل جغرافیایی را تأیید کرد. به طورکلی تنوع بالایی در ژنوتیپ‌های مورد بررسی مشاهده شد و تعداد پنجه بارور بیشترین تأثیر را روی عملکرد دانه در بوته داشت. جمعیت‌های Tb-۴، Tb-۳ و Tb-۱۹ به‌عنوان جمعیت‌های دارای تنوع بالا و استان‌های کردستان، آذربایجان غربی و کرمانشاه به‌عنوان حوزه‌های متنوع جغرافیایی شناخته شدند.

References

Abde Mishani, S., and Shahnejat Boshehri, A. 1998. Advance Plant Breeding, Tehran University Press. (in Persian).

Allard, R. W. 1996. Genetic basis of the evolution of adaptedness in plants. Euphytica 92: 1-11.

BabaieZarch, M. J., Fotokian, M. H., and Mahmoodi, S. 2013. Evaluation of genetic

diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes for morphological traits using multivariate analysis methods. Journal of Crop Breeding 5(12): 1-14 (in Persian).

Bussotti, F., Borghini, F., Celesti, C., Leonzio, C., and Bruschi, P. 2000. Leaf morphology and macronutrients in broadleaved trees in central Italy. Trees 14(7): 361-368.

Chalish, L., and Houshmand, S. 2011. Estimate of heritability and relationship of some durum wheat characters using recombinant inbred lines. Electronic Journal of Crop Production 4 (2): 223-238 (in Persian).

Cheniany, M., Ebrahimzadeh, H., Salimi, A., and Niknam, V. 2007. Isozyme variation in some populations of wild diploid wheat in Iran. Biochemical Systematics and Ecology 35: 363-371.

Chhuneja, P., Kumar, K., Stirnweis, D., Hurni, S., Keller, B., Dhaliwal, H. S., and Singh, K. 2012. Identification and mapping of two powdery mildew resistance genes in *Triticum boeoticum* L. Theoretical and Applied Genetic 124: 1051–1058.

Clegg, M. T. 1997. Plant genetic diversity and the struggle to measure selection. Journal of Heredity 88: 1-7.

Coroi, M., Skeffington, M. S., Giller, P., Smith, C., Gormally, M, and O`Donovan, G. 2004. Vegitation diversity and stand structure in streamside forests in the south of Ireland. Forest Ecology and Management 202: 39-57.

Donini, P., Law, J. R., Koebner, R. M. D., Reeves, J. C., and Cooke, R. J. 2000. Temporal trends in the diversity of UK wheats. Theoretical and Applied Genetic 100: 912-917.

Fakhre-Tabatabaei, S. M., and Ramak-Massoumi, T. 2001. *Triticum boeoticum* ssp. Thaoudar existed in Iran. Cereal Research Communications 29: 121-126.

Farahani, A., and Arzani, A. 2006. Genetic variation of F1 hybrid varieties and genotypes of durum wheat using agronomic and morphological traits. Science and Technology of Agriculture and Natural Resources 10(4): 341-354 (in Persian).

Fisher, M. A., and Fuel, P. Z. 2004. Changes in forest vegetation and *Arbuscular mycorrhizae* along a steep elevation gradient in Arizona. Forest Ecology and Management 200: 293-311.

Gratani, L., Meneghini, M., Pesoli, P., and Crescente, M. F. 2003. Structural andfunctional plasticity of Quercus ilex seedlings of different provenances in Italy. Trees 17(6): 515-521

Grytnes, J. A., and Vetaas, O. R. 2002. Species richness and altitude: A comparison between null models and interpolated plant species richness along the Himalayan

altitudinal gradient, Nepal. The American Naturalist 159(3): 294-304.

Hammer, K., and Teklu, Y. 2008. Plant genetic resources: selected issues from genetic erosion to genetic engineering. Journal of Agriculture and Rural Development in the Tropics and Subtropics 109(1): 15-50.

Hammer, K., Arrowsmith, N., and Gladis, T. 2003. Agrobiodiversity with emphasis on plant genetic resources. Natur Wissenschaften 90: 241-250.

Harlan, J. R., and Zohary, D. 1996. Cultivated einkorn = *Triticum monococcum* L. subsp. monococcum (*Triticum m. monococcum*); wild einkorn = *T. m. boeoticum*; and *Triticum monococcum* L. subsp. aegiliopoides (*Triticum monococcum* aegilopoides). Science 153: 1074-1080.

Hegazy, A. K., EL-Demedesh, M. A., and Hosni, H. A. 1998. Vegetation, species diversity and floristic relations along an altitudinal gradient in south-west Saudi Arabia. Journal of Arid Environment 3: 3-13.

Henu, M., Schaefer-Pregl, R., Klawan, D., Castagna, R., Accerbi, M., Borghi, B., and Salamini, F. 1997. Site of einkorn wheat domestication identified by DNA fingerprinting. Science 278: 1312-1314.

Hoisington, D., Khairallah, M., Reeves, T., Ribaut, J. M., Skovmand, B., Taba, S., and Warburton, M. 1999. Plant genetic resources: what can they contribute toward increased crop productivity? Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America 96: 5937-5943.

Hussien, T., Bowden, R. L., Gill, B. S., Cox, T. S., and Marshall, D. S. 1997. Performance of four new leaf rust resistance genes transferred to common wheat from *Aegilops tauschii* and *Triticum monococcum*. Plant Disease 81: 582-586.

Just, R. E., and Pope, R. D. 2003. Agricultural risk analysis: adequacy of models, data and issues. American Journal of Agricultural Economics 85: 1249-1256.

Kamkar, B., Kafi, M., and NassiriMahalati, M. 2004. Determining the most sensitive developmental period of wheat to salinity using path analysis for optimal saline water utilization. Journal of Agricultural Science and Technology 19: 25-34.

Kharestani, H., Nasrolah Nejad Qomi, A. A., and Mehrabi, A. A. 2013. Genetic diversity assessment of Einkorn wheat by using microsatellite markers. Electronic Journal of Crop Production 6 (2): 1-16 (in Persian).

Li, P. F., Cheng, Z. G., Ma, B. L., Palta, J. A., Kong, H. Y., Mo, F., Wang, J. Y., Zhu, Y., Lv, G. C., Batool, A., Bai, X., Li, F. M., and Xiong, Y. C. 2014. Dryland wheat domestication changed the development of aboveground architecture for a well-structured canopy. Plos One 9: 1-12.

Malaki, M., Naghavi, M. R., Alizadeh, H., Potki, P., Kazemi, M., Pirseyedi, S. M., Mardi, M., and Fakhre-Tabatabaei, S. M. 2006. Study of genetic variation in wild diploid wheat (*Triticum boeoticum*) from Iran using AFLP markers. Iranian Journal of Biotechnology 4: 269-274.

Mazinani, M. A., Moghaddam, M., Alavikia, S. S., Shakiba, M. R., Mehrabi, A. A., and Pouraboughaddareh, A. R. 2012. Study of genetic diversity in *T. boeoticum* populations under normal and water deficit stress conditions. Cereal Research 2 (1): 17-30 (in Persian).

McIntosh, R. A., Dyck, P. L., The, T. T., Cusick, J. E., and Milne, D. L. 1984. Cytogenetical studies in wheat. XIII. Sr35 – a third gene from *Triticum monococcum* for resistance to *Puccinia graminis tritici*. Z Pflanzenzücht 92:1-14.

Mousavifard, S. Sh., Saeidi, H., Rahiminejad, M. R., and Shamsadini, M. 2014. Molecular analysis of diversity of diploid Triticum species in Iran using ISSR markers. Genetic Resources and Crop Evolution 62(3): 387-394.

Naghavi, M. R., Malaki, M., Alizadeh, H., Pirseiedi, M., and Mardi, M. 2009. An assessment of genetic diversity in wild diploid wheat *Triticum boeoticum* from west of Iran using RAPD, AFLP and SSR markers. Journal of Agriculture Science and Technology 11: 585-598.

Naroui Rad, M. R., Farzanju., M., Fanay., H. R., Arjmandy Nejad., A. R., and Ghasemy, A. 2006. The study genetic variation and factor analysis for morphological characters of wheat native accessions of Sistan and Baluchistan. Pajouhesh & Sazandegi 73: 50-57 (in Persian).

Ovesna, J., Kucera, L., Bockova, R., and Holubec, V. 2000. Characterisation of powdery mildew resistance donors within *Triticum boeoticum* accessions using RAPDs. Czech Journal of Genetics and Plant Breeding 38: 117-124.

Pouraboughaddareh, A. R. 2012. Study of genetic diversity in *T. boeoticum* and *T. urartu* populations under normal and water deficit stress conditions. M.Sc. Thesis. University of Tabriz (in Persian).

Pouraboughaddareh, A. R., Moghaddam, M., Alavikia, S. S., and Mehrabi, A. A. 2016. Assessing heritability of agro-morphological characters and relationship between genetic diversity with geographical factors in Einkorn wild wheat populations collected from West and Northwest of Iran. Iranian Journal of Rangeland and Forests Plant Breeding and Genetic Research 24(2): 287-304 (in Persian).

Prodanovic, S. 1993. Genetic values of F1 wheat hybrids obtained in diallel crosses, Review of Research Work at the Faculty of Agriculture Belgrade 38(2): 25-37.

Rahmanpour, H., Ebrahimi, H., and Akrami, F. 2015. Effects of climatic factors on

the geography of agricultural production (wheat case study). Merit Research Journal of Agricultural Science and Soil Sciences 3(4): 051-060.

Ren, J., Chen, L., Sun, D., You, F. M., Wang, J., Peng, Y., Nevo, E., Beiler, A., Sun, D., Luo, M. Ch., and Peng, J. 2013. SNP-revealed genetic diversity in wild emmer wheat correlates with ecological factors. BMC Evolutionary Biology 13:169.

Ripberger, E. I., Bome, N. A., and Trautz, D. 2016. Variation in the plant height of spring common wheat (*Triticum aestivum* L.) hybrid forms under different ecological and geographical condition. Russian Journal of Genetics: Applied Research 6(3): 258-263.

Ruiz, M., Carrillo, J. M., and Varela, F. 1997. Relationship between some geographical parameters and agro-morphological and biochemical characters in a sample of Spanish landraces of barley (*Hordeum vulgare* L.). Plant Genetic Resources Newsletter 112: 86-89.

Salimi, A., Ebrahimzadeh, H., and Taeb, M. 2005. Description of Iranian diploid wheat resources. Genetic Resources and Crop Evolution 52: 351–361.

Shi, A. N., Leath, S., and Murphy, J. P. 1996. Transfer of a major gene for powdery mildew resistance from wild einkorn wheat (*Triticum monococcum* var. boeoticum) to common wheat (*Triticum aestivum*). Phytopathology 86: 556.

Subhashchandra, B., Lohithaswa, H. C., Desai, A. S., and Hanchinal, R. R. 2009. Assessment of genetic variability and relationship between genetic diversity and transgressive segregation in tetraploid wheat. Karnataka Journal Agriculture Science 22: 36-38.

Van Slageren, M. W. 1994. Wild wheats: A monograph of *Aegilops* L. and *Amblyopyrum* (Jaub. and Spach) Eig (Poaceae). Wageningen Agricultural University.

Waines, J. G. 1983. Genetic resources in diploid wheats: the case for diploid commercial wheats: Proc. 6th Wheat Genet, Symposium, December 28, Kyoto, Japan, pp. 115-122.

Warburton, M. L., Crossa, J., Franco, J., Kazi, M., Trethowan, R., Rajaram, S., Pfeiffer, W., Zhang, P., Dreisigacker, S., and van Ginkel, M. 2006. Bringing wild relatives back into the family: recovering genetic diversity in CIMMYT improved wheat germplasm. Euphytica 149: 289-301.

Xiong, Y. C., Li, F. M., and Zhang, T. 2006. Performance of wheat crops with different chromosome ploidy: root-sourced signals, drought tolerance and yield performance. Planta 224: 710-718.

Zakizadeh, M., Esmaeilzadeh Moghaddam, M., and Kahrizi, D. 2010. Study on genetic

variation and relationship between plant characteristics and grain yield in long spike bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes-using multivariate analysis. Iranian Journal of Crop Sciences 12 (2): 18-30 (in Persian).

Zarei, S., Amini, A., Mahfoozi, S., and Bihamta, M. R. 2011. Study of genetic diversity for morpho-physiological and agronomic raits of Iranian local wheat genotypes under drought stress conditions. Electronic Journal of Crop Production 4 (4): 123-138 (in Persian).

Zohary, D., and Hopf, M. 2000. Domestication of Plants in the Old World, 3rd edition. Oxford University Press, New York, USA, 4: 666 p.